

AAV Types 2 & 5 % Inhibition + Heparin (20 ug/ml)

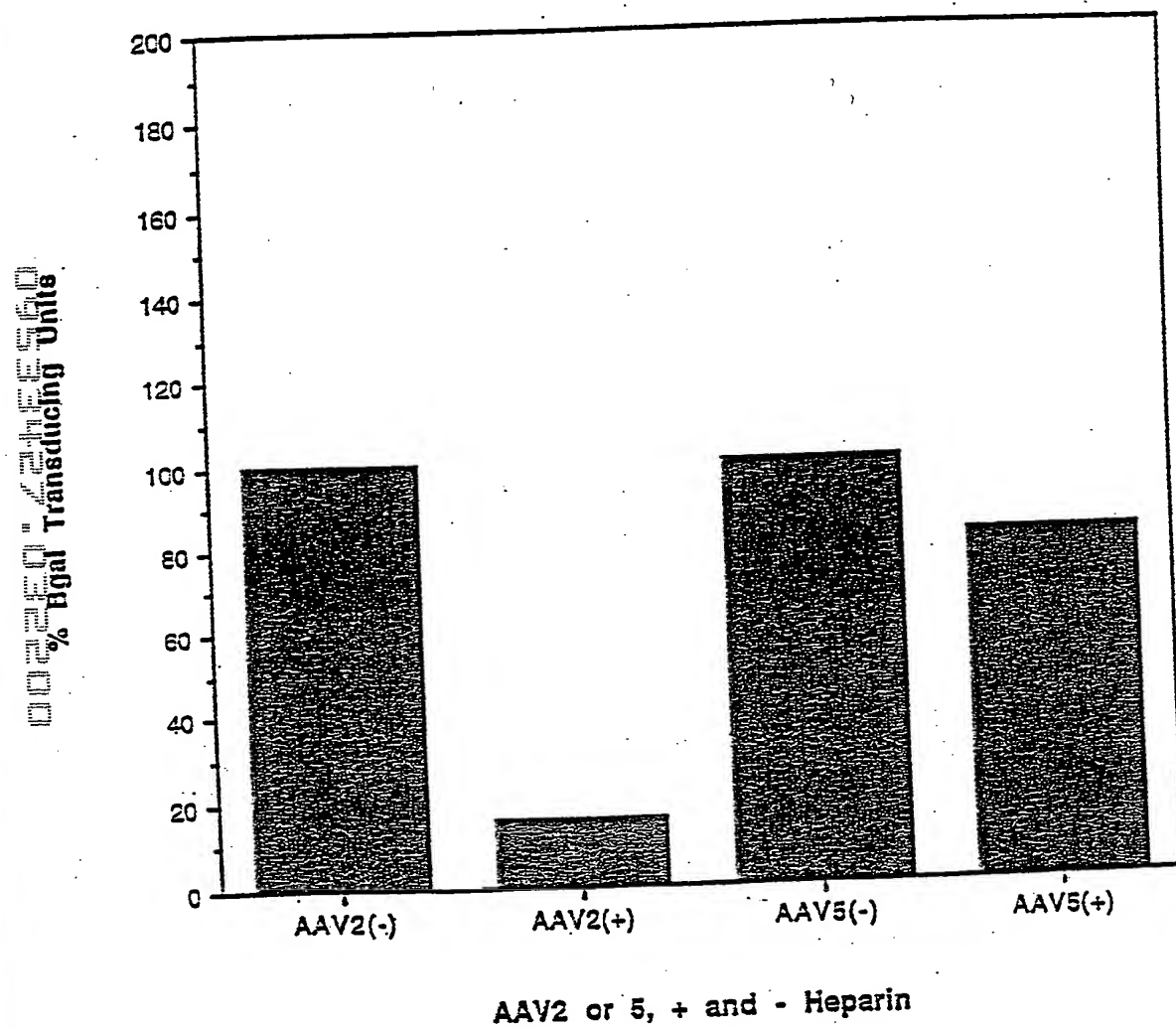
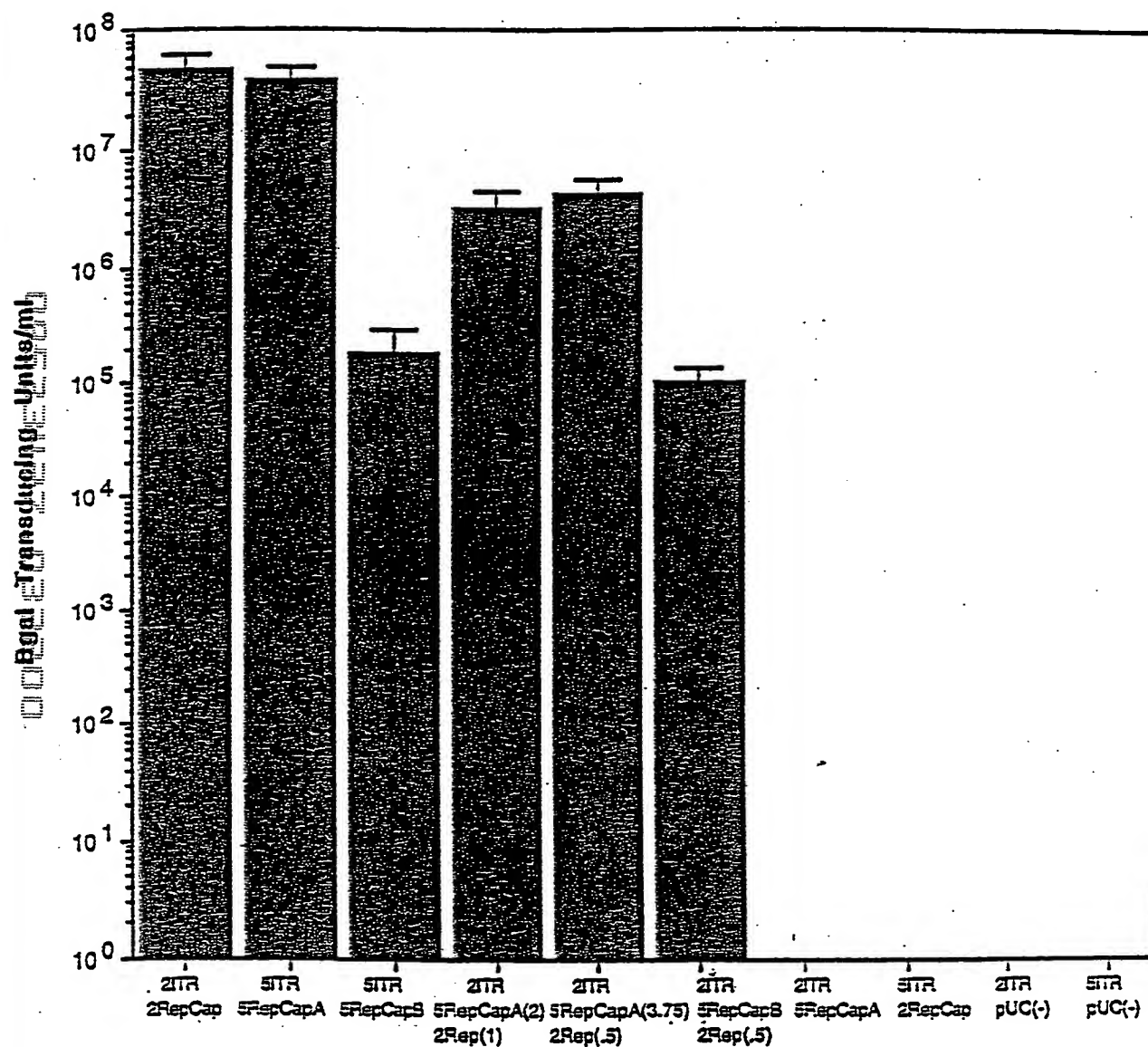


FIG. 1

AAV Types 2 & 5 Vector and Helper Plasmid Combinations



AAV2 & 5 Plasmid Combinations

FIG. 2

AAV Types 2 & 5 Tissue Tropism

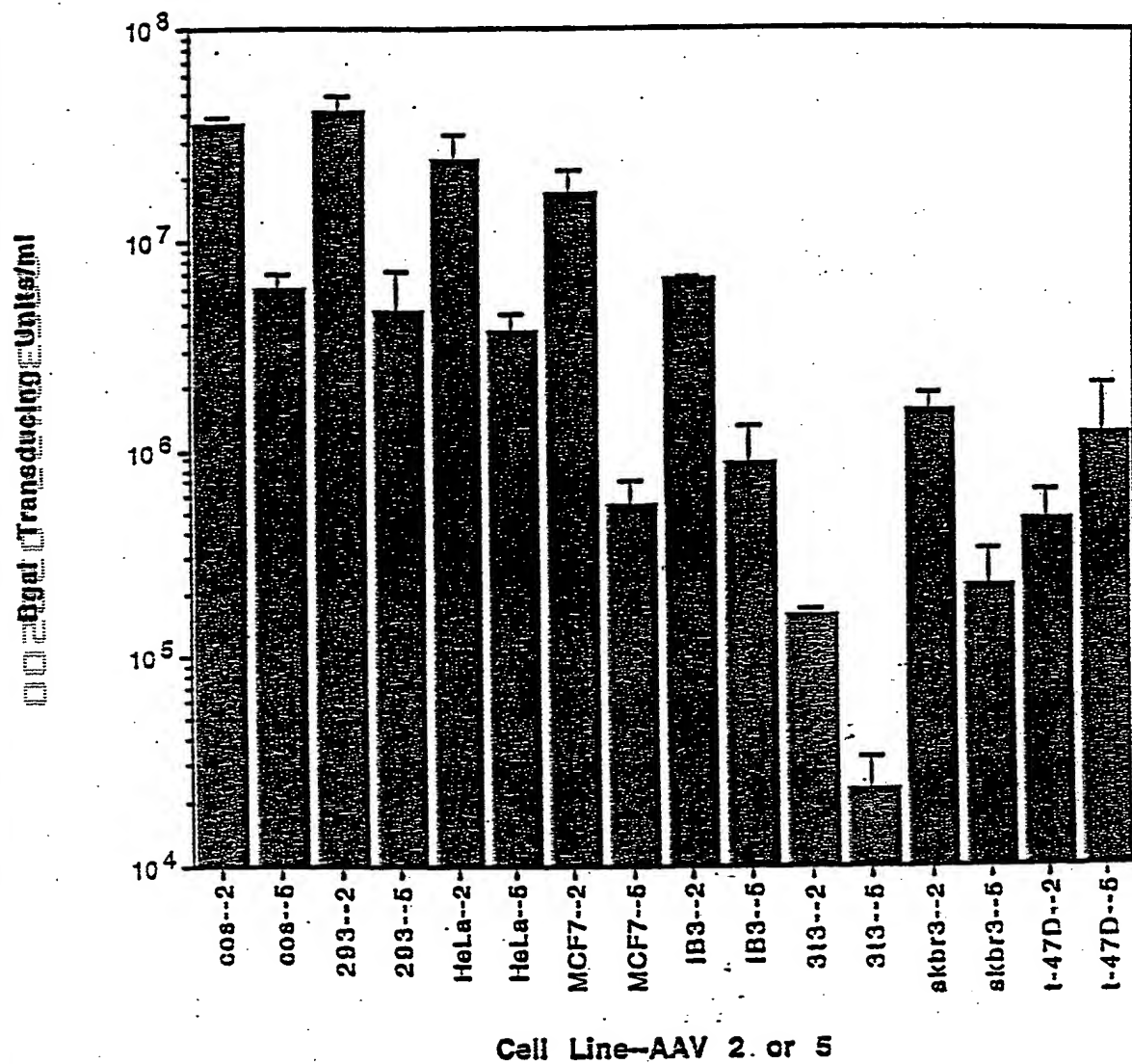


FIG. 3

 ALIGNMENT OF TWO NUCLEOTIDE SEQUENCES. *

he two sequences to be aligned are:

AV2CG.
 total number of bases: 4679.

AV5CG.
 total number of bases: 4652.

pen gap cost : 10
 nit gap cost : 12

ie character to show that two aligned residues are identical is ':'

```

AV2CG - TTGGCCACTCCCTCTCTGCGCGCTCGCTCGCTCACTGA-----GGCCGGGCGA -48
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AV5CG - TGGCACTCTCCCCCTGTGCGCTTCGCTCGCTCGCTGGCTCGTTTGGGGGGGTGG -55
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AV2CG - C-----CAAAGGTC-GCCCGACGCCCCGGGCTTTGCCCCGG-GCGGCCTCA----- -90
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AV5CG - CAGCTCAAAGAGCTGCCAGACGACGGCCCTCTGGCCGTCGCCCCCCCAAACGAGC -110
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AV2CG - --GTGAGCGAGCGAGCGCG-CAGAGAGG-GAGTGGCCAACTCCATCACTAGGGGT -141
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AV5CG - CAGCGAGCGAGCGAACGCGACAGGGGGGAGAGTGCCACACTCTCAAGCAAGGGGG -165
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AV2CG - TCCTGGAGGG-GTGGAGTCGTGACG-TGAATTACGTCATAGGGTTAGGGAGGTCC -194
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AV5CG - TTTTGTAAGCAGTGATGTCATAATGATGTAATGCTTATTGTACGCGATAGTTAA -220
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AV2CG - TGTATTAGAGGTCACGTGA-GTGTTTTGCGACATTTTGCGACACC-----ATGT -242
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AV5CG - TG-ATTAACAGTCATGTGATGTGTTTTATCCAATAGGAAGAAAGCGCGCGTATGA -274
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AV2CG - GGTCACGCT-----GGGTATTTAAGCCCCGAGTGAGCACGCAGGGTCTCCAT -288
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AV5CG - GTTCTCGCGAGACTTCCGGGGTATAAAAGACCGAGTGAACGAGCCCCGC-CGCCAT -328
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AV2CG - T-TTGAAGCGGGAG-GTTTGAACGCGCA-GCCGCCATGCCGGGGTTTTACGAGAT -340
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AV5CG - TCTTTGCTCTGGACTGCTAGAGGACCCTCGCTGCCATGGCTACCTTCTATGAAGT -383
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AV2CG - TGTGATTAAGGTCCCCAGCGACCTTGACGGGCATCTGCCCGGCATTTCTGACAGC -395
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AV5CG - CATTGTTCGCGTCCCATTGACGTGGAGGAACATCTGCCTGGAATTTCTGACAGC -438
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AV2CG - TTTGTGAACTGGGTGGCCGAGAAGGAATGGGAGTTGCCGCCAGATTCTGACATGG -450
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AV5CG - TTTGTGGACTGGGTAACTGGTCAAATTGGGAGCTGCCTCCAGAGTCAGATTTAA -493
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
  
```

FIG. 4

AV2CG	- ATCTGAATCTGATTT CAGGCACCCCTGACCGTGGCCGAGAA TGCAGCGCGA	-505
AV5CG	- ATTTGACTCTGGTTGAA CAGCCTCAGTTGACGGTGGCTGATAGAATTCGCCGCGT	-548
AV2CG	- CTTTCTGACGGAATGGCGCCGTGTGAGTAAGGCCCGGAGGCCCTTTTCTTTGTG	-560
AV5CG	- GTTCCTGTACGAGTGGAACAAATTTTCCAAG---CAGGAGTCCAAATTCCTTTGTG	-600
AV2CG	- CAATTTGAGAAGGGGAGAGAGCTACTTCCACATGCACGTGCTCGTGGAACACCG	-615
AV5CG	- CAGTTTGAAAAGGGATCTGAATATTTTCATCTGCACACGCTTGTGGAGACCTCCG	-655
AV2CG	- GGGTGAAATCCATGGTTTTGGGACGTTTCTGAGTCAGATTCGCGAAAACTGAT	-670
AV5CG	- GCATCTCTTCCATGGTCCTCGGCCGCTACGTGAGTCAGATTCGCGCCAGCTGGT	-710
AV2CG	- TCAGAGAATTTACCGCGGGATCGAGCCGACTTTGCCAAACTGGTTCGCGGTCACA	-725
AV5CG	- GAAAGTGGTCTTCCAGGGAATTGAACCCAGATCAACGACTGGGTGCGCCATCACC	-765
AV2CG	- AAGACCAGAAATGGCGCCGGAGGCGGGAACAAGGTGGTGGATGAGTGCTACATCC	-780
AV5CG	- AAGGTAAAGAAGGGC---GGAGCC---AATAAGGTGGTGGATTCTGGGTATATTC	-814
AV2CG	- CCAATTACTTGCTCCCCAAAACCCAGCCTGAGCTCCAGTGGGCGTGGACTAATAT	-835
AV5CG	- CCGCCTACCTGCTGCCGAAGGTCCAACCGGAGCTTCAGTGGGCGTGGACAAACCT	-869
AV2CG	- GGAACAGTATTTAAGCGCCTGTTTGAATCTCACGGAGCGTAAACGGTTGGTGGCG	-890
AV5CG	- GGACGAGTATAAATTGGCCGCCCTGAATCTGGAGGAGCGCAAACGGCTCGTCGCG	-924
AV2CG	- CAGCATCTGACGCACGTGTGCGCAGACGCAGGAGCAGAACAAAGAGAATCAGAATC	-945
AV5CG	- CAGTTTCTGGCAGAATCCTCGCAG-CGCTCG--CAGGAGGCGGCTTCGCAGCGTG	-976
AV2CG	- CCAATTCTGATGCGCCGGTGATCAGATCAAAAACCTTCAGCCAGGTACATGGAGCT	-1000
AV5CG	- AGTTCTCGGCTGACCCGGTCATCAAAGCAAGACTTCCAGAAATACATGGCGCT	-1031
AV2CG	- GGTCGGGTGGCTCGTGGACAAGGGGATTACCTCGGAGAAGCAGTGGATCCAGGAG	-1055
AV5CG	- CGTCAACTGGCTCGTGGAGCACGGCATCACTTCCGAGAAGCAGTGGATCCAGGAA	-1086
AV2CG	- GACCAGGCCTCATACATCTCCTTCAATGCGGCCTCCAACTCGCGGTCCCAAATCA	-1110
AV5CG	- AATCAGGAGAGCTACCTCTCCTTCAACTCCACGGCAACTCTCGGAGCCAGATCA	-1141
AV2CG	- AGGCTGCCTTGGACAATGCGGGAAAGATTATGAGCCTGACTAAAACGCCCCCGA	-1165
AV5CG	- AGGCCGCGCTCGACAACGCGACCAAATATGAGTCTGACAAAAGCGCGGTGGA	-1196
AV2CG	- CTACCTGGTGGGCCAGCAGCCCGTG-GAGGACATTTCCAGCAATCGGATTTATAA	-1219
AV5CG	- CTACCTCGTGGGG-AGCTCCGTTCCCGAGGACATTTCAAAAACAGAATCTGGCA	-1250

AV2CG - AATTTTGGAACTAAACGGGTACGATCCCCAATATGCGGCTTCGGTCTTTCTGGA -1274
::: : : : : : : : : : : : : : : : :
AV5CG - AATTTTGGAGATGAATGGCTACGACCCGGCCTACGCGGGATCCATCCTCTACGGC -1305
AV2CG - TGGGCCACGAAAAAGTTCGGCAAGAGGAACACCATCTGGCTGTTTGGGCCTGCAA -1329
::: : : : : : : : : : : : : : : : :
AV5CG - TGGTGTCAGCGCTCCTTCAACAAGAGGAACACCGTCTGGCTCTACGACCCGCCA -1360
AV2CG - CTACCGGGAAGACCAACATCGCGGAGGCCATAGCCCACACTGTGCCCTTCTACGG -1384
:
AV5CG - CGACCGGCAAGACCAACATCGCGGAGGCCATCGCCACACTGTGCCCTTTTACGG -1415
AV2CG - GTGCGTAAGTGGACCAATGAGAAGTTCCTTCAACGACTGTGTGACAAGATG -1439
:
AV5CG - CTGCGTGAAGTGGACCAATGAAAAGTTCCTTTAATGACTGTGTGGACAAAATG -1470
AV2CG - GTGATCTGGTGGGAGGAGGGGAAGATGACCGCCAAGGTCGTGGAGTCGGCCAAAG -1494
:
AV5CG - CTCATTTGGTGGGAGGAGGGAAAGATGACCAACAAGGTGGTTGAATCCGCCAAGG -1525
AV2CG - CCATTCTCGGAGGAAGCAAGGTGCGCGTGGACCAGAAATGCAAGTCCTCGGCCCA -1549
:
AV5CG - CCATCCTGGGGGGCTCAAAGGTGCGGGTCGATCAGAAATGTAAATCCTCTGTTCA -1580
AV2CG - GATAGACCCGACTCCCGTGATCGTCACCTCCAACACCAACATGTGCGCCGTGATT -1604
:
AV5CG - AATTGATTCTACCCCTGTCATTGTAAGTCCAATAACAACATGTGTGTGGTGGTG -1635
AV2CG - GACGGGAACTCAACGACCTTCGAACACCAGCAGCCGTTGCAAGACCGGATGTTCA -1659
:
AV5CG - GATGGGAATTCCACGACCTTTGAACACCAGCAGCCGCTGGAGGACCGCATGTTCA -1690
AV2CG - AATTTGAACTCACCCGCCGTCTGGATCATGACTTTGGGAAGGTCACCAAGCAGGA -1714
:
AV5CG - AATTTGAACTGACTAAGCGGCTCCCGCCAGATTTTGGCAAGATTACTAAGCAGGA -1745
AV2CG - AGTCAAAGACTTTTTCCGGTGGGCAAAGGATCACGTGGTTGAGGTGGAGCATGAA -1769
:
AV5CG - AGTCAAGGACTTTTTTGCTTGGGCAAAGGTCAATCAGGTGCCGGTGAATCACGAG -1800
AV2CG - TTCTACGTCAAAAAGG--TGGAGCCAAGAAAAGACCCGCCCCCAGTGACGCAGA -1822
:
AV5CG - TTTAAAGTTCCAGGGAATTGGCGGGAATAAAGGGGCG-----GAGAAATCTC -1849
AV2CG - TATAAGTGAGCCCAAACGGGTGCGCGAGTCAGTTGCGCAGCCATCGACGTCAGAC -1877
:
AV5CG - TAAAAC---GCCCACT-GGGTGA-CGTCACCAATACT-AGCTATAAAAGTCTGGA -1898
AV2CG - GCGBAAGCTTCGATCAACTACGCAGACAGGTACAAAACAAAT-GTTCTCGTCAC -1931
:
AV5CG - G---AAGC--GGGCCAGGCTCTCATTT-GTTCCCGAGACGCCTCGCAGTTCAGAC -1947
AV2CG - GTGGGCATGAATCT-GATGCTGTTTCCCTGCAGACAATGCGAGAGAATGAATCAG -1985
: :

AV5CG	- GTGACTGTTGATCCTCCTCTGCGACCGCTCA-ATTGGAACAAGGTAT--G	-1999
AV2CG	- AATTCAAATATCTGCTTCACTCACGGACAGAAAGACTGTTTAGAGTGCTTCCCG	-2040
AV5CG	- ATTGCAAATG--TGACT-A-TCATGCTCAATTTGACA---ACATTTCTAACAAA	-2046
AV2CG	- TGTCA-GAATCTCAACCCGTTTCTGTCGTCAAAAAGGC--GTATCAGAAACTGTG	-2092
AV5CG	- TGTGATGAATGTGAATATTTGAATCGGGGCAAAAATGGATGTATCTGTCACAATG	-2101
AV2CG	- CTACATTCA-TCATAT----CATGGGAAAGGTGCCAGACGCTTGCACTGCCTGCG	-2142
AV5CG	- TAACTCACTGTCAAATTTGTCTATGGGATTCCCCCTGGGAAAAGGAAAAGTTG--	-2154
AV2CG	- ATCTGGTCAATGTGGATTTGGATGACTGCATCTTTGAACAATAAATGATTTAAAT	-2197
AV5CG	- TCAGATTT-TGGGGATTTTGACGATGCCAATAAAGAACAGTAAATAAAGCGAGT	-2207
AV2CG	- CAGGTATGGCTGCCGATGGTTATCTTCCAGATTGGCTCGAGGACACTCTCTCTGA	-2252
AV5CG	- AGTCATGTCTTTTGTGATCACCCTCCAGATTGGTTGGAAGAAGTTGG---TGA	-2258
AV2CG	- AGGAATAAGACAGTGGTGAAGCTCAAACCTGGCCCACCACCACCAAAGCCCGCA	-2307
AV5CG	- AGGTCTTCGCGAGTTTTTTGGGCCTTGAAGCGGGCCCACCGAAACCAAACCCAAT	-2313
AV2CG	- GAGCGGCATAAGGACGACAGCAGGGGTCTTGTGCTTCCTGGGTACAAGTACCTCG	-2362
AV5CG	- CAGCAGCATCAAGATCAAGCCCGTGGTCTTGTGCTGCCTGGTTATAACTATCTCG	-2368
AV2CG	- GACCCTTCAACGGACTCGACAAGGGAGAGCCGGTCAACGAGGCAGACGCCGCGGC	-2417
AV5CG	- GACCCGGAAACGGTCTCGATCGAGGAGAGCCTGTCAACAGGGCAGACGAGGTCGC	-2423
AV2CG	- CCTCGAGCACGACAAAGCCTACGACCGGCAGCTCGACAGCGGAGACAACCCGTAC	-2472
AV5CG	- GCGAGAGCACGACATCTCGTACAACGAGCAGCTTGAGGCGGGAGACAACCCCTAC	-2478
AV2CG	- CTCAAGTACAACCACGCCGACGCGGAGTTTCAGGAGCGCCTTAAAGAAGATACGT	-2527
AV5CG	- CTCAAGTACAACCACGCCGACGCCGAGTTTCAGGAGAAGCTCGCCGACGACACAT	-2533
AV2CG	- CTTTTGCGGGCAACCTCGGACGAGCAGTCTTCCAGGCGAAAAAGAGGGTTCTTGA	-2582
AV5CG	- CCTTCGGGGGAAACCTCGGAAAGGCAGTCTTTCAGGCCAAGAAAAGGGTTCTCGA	-2588
AV2CG	- ACCTCTGGGCCTGGTTGAGGAACCTGTTAAGACGGCTCCGGGAAAAAAGAGGCCG	-2637
AV5CG	- ACCTTTTGGCCTGGTTGAAGAGGGTGCTAAGACGGCCCCTACCGGAAAGCGGATA	-2643
AV2CG	- GTAGAGCACTCTCCTGTGGAGCCAGACTCCTCCTCGGGAAACCGGAAAGGCGGGCC	-2692
AV5CG	- GACGACCACTTTCCAAAA-AGAAAGAAGGCTC---GGA-CCGAAGAGGACT-CC	-2691
AV2CG	- AGCAGCCTGCAAGAAAAAGATTGAATTTTGGTCAGACTGGAGACGCAG-ACTCAG	-2746

AV5CG - A--AGCCTTCCACC-----TCGTCAGAC-GCCGAAGCTGGACCCAG -2729
 AV2CG - TACCTGACCCCCAGCCTCTCGGACAGCCACCAGCAGCCCCCTCTGGTCTGGGAAC -2801
 AV5CG - ---CGGATCCC-AGCAGCTGCAAATCCCAGCCCAACCAGCCTCAAGTTTGGGAGC -2780
 AV2CG - TAATACGATGGCTACAGGCAGTGGCGCACCAATGGCAGACAATAACGAGGGCGCC -2856
 AV5CG - TGATACAATGTCTGCGGGAGGTGGCGGCCCATTTGGGCGACAATAACCAAGGTGCC -2835
 AV2CG - GACGGAGTGGGTAATTCCTCGGGAAATTGGCATTGCGATTCCACATGGATGGGCG -2911
 AV5CG - GATGGAGTGGGCAATGCCTCGGGAGATTGGCATTGCGATTCCACGTGGATGGGGG -2890
 AV2CG - ACAGAGTCATCACCACCAGCACC CGAACCTGGGCCCTGCCACCTACAACAACCA -2966
 AV5CG - ACAGAGTCGTCACCAAGTCCACCCGAACCTGGGTGCTGCCAGCTACAACAACCA -2945
 AV2CG - CCTCTACAAACAAATTTCCAGCCAATCAGGAGGCTCGA--ACGACAATCACTAC -3018
 AV5CG - CCAGTACCGAGAGATCAAAGCGGCTCCGTCGACGGAAGCAACGCCAACGCCTAC -3000
 AV2CG - TTTGGCTACAGCACCCTTGGGGGTATTTTGACTTCAACAGATTCCACTGCCACT -3073
 AV5CG - TTTGGATACAGCACCCTTGGGGGTACTTTGACTTTAACCGCTTCCACAGCCACT -3055
 AV2CG - TTTCAACCACGTGACTGGCAAAGACTCATCAACAACAACTGGGGATTCCGACCCAA -3128
 AV5CG - GGAGCCCCCGAGACTGGCAAAGACTCATCAACAATACTGGGGCTTCAGACCCCG -3110
 AV2CG - GAGACTCAACTTCAAGCTCTTTAACATTCAAGTCAAAGAGGTCACGCAGAATGAC -3183
 AV5CG - GTCCCTCAGAGTCAAATCTTCAACATTCAAGTCAAAGAGGTCACGGTGCAGGAC -3165
 AV2CG - GGTACGACGACGATTGCCAATAACCTTACCAGCACGGTTCAGGTGTTTACTGACT -3238
 AV5CG - TCCACCACCACCATCGCCAACAACCTCACCTCCACCGTCCAAGTGTTTACGGACG -3220
 AV2CG - CGGAGTACCAGCTCCCGTACGTCCTCGGCTCGGCGCATCAAGGATGCCTCCCGCC -3293
 AV5CG - ACGACTACCAGCTGCCCTACGTCGTCGGCAACGGGACCGAGGGATGCCTGCCGGC -3275
 AV2CG - GTTCCCAGCAGACGTCTTCATGGTGCCACAGTATGGATACCTCACCTGAACAAC -3348
 AV5CG - CTTCCCTCCGACGGTCTTTACGCTGCCGACGTACGGTTACGCGACGCTGAACCGC -3330
 AV2CG - GGGAGT-CAGGCAGTAGGAC---GCTCTTCA--TTTACTGCCTGGAGTACTTTC -3397
 AV5CG - GACAACACAGAAAATCCCACCGAGAGGAGCAGCTTCTTCTGCCTAGAGTACTTTC -3385
 AV2CG - CTTCTCAGATGCTGCGTACCGGAAACAACCTTACCTTCAGCTACACTTTTGAGGA -3452
 AV5CG - CCAGCAAGATGCTGAGAACGGGCAACAACCTTTGAGTTTACCTACAACCTTTGAGGA -3440

AV2CG	- CGTTCCTTTCCACAAGCTACGCTCACAGCCAGAGTCTGGACCTCTCATGAAT	-3507
AV5CG	- GGTGCCCTTCCACTCCAGCTTCGCTCCAGTCAGAACCTGTTCAAGCTGGCCAAC	-3495
AV2CG	- CCTCTCATCGACCAGTACCTGTATTACTT---GAGCAGAACAACACTC-----	-3553
AV5CG	- CCGCTGGTGGACCAGTACTTGTACCGCTTCGTGAGCACAAATAACACTGGCGGAG	-3550
AV2CG	- -CAAGTGAACCACCAC---GCAGTCA-AGGCTTCAGTT--TTCTCAGGCCGGAG	-3601
AV5CG	- TCCAGTTCAACAAGAACCTGGCCGGGAGATACGCCAACACCTACAAAACTGGTT	-3605
AV2CG	- CGAGTGACATTCTGGGACCAGTCTAGGAACTGGCTTCCTGGACCCTGTTACCGCCA	-3656
AV5CG	- CCCGGGGCCCATGGGCCGAACCCAGGG-CTGGAA-CCTGGGCTCCGGGGTCAACC	-3658
AV2CG	- GCAGCGAGTATCAAAGACATCTGCGGATAACAACAACAGTGAATACTCGTGGACT	-3711
AV5CG	- GC-GCCAGTGTCTAGCGCCTTC-GCCACGACCAATAGGA-TGGAG-CTCGAGGGCG	-3709
AV2CG	- GGAGCTACCAAGTACCACCTCAATGGCAGAGACTCTCTGGTGAATCCGGGCCCGG	-3766
AV5CG	- CGAGTTACCAGGTGCCCCCGCA---GCCGA-ACGGCATGACCAACAACCTCCAGG	-3760
AV2CG	- CCATGGCAAGCCACAAGGACGATGAAGAAAAGTTTTTCTCTCAGAGCGGGGTCT	-3821
AV5CG	- GCA--GCAA--CACCTATGCCCTGGAGAACACTATGATCTTCAA--CAG---C-	-3804
AV2CG	- CATCTTTGGGAAGCAAGGCTCAGAGAAAACAAATGTGGACATTGAAAAGGTCATG	-3876
AV5CG	- CAGCCG-GCGAACC CGGCACCACCGCCACGTACCTCGAGGGCAACATGCTCATC	-3858
AV2CG	- ATTACAGACGAAGAGGAAATCAGGACAACCAATCCCGTGGC-TACGGAGCAGTAT	-3930
AV5CG	- AC--CAG-CGAGAGCGAGACGCAGCCGGTGAACCGCGTGGCGTACAACGTCGGCG	-3910
AV2CG	- GGTTCGTATCTACCAACCTCCAGAGAGGCAACAGACAAGCAGCTACCGCAGATG	-3985
AV5CG	- GGCAGA-TGGCCACCAACAACAGAGCTCCACCACTGCCCCCGCAGCCGGCACGT	-3964
AV2CG	- TCAACACACAAGGCGTTCTTCCAGGCATGGTCTGGCAGGACAGAGATGTGTACCT	-4040
AV5CG	- ACAACCTCCAGGAAATCGTGCCCGGCAGCGTGTGGATGGAGAGGGACGTGTACCT	-4019
AV2CG	- TCAGGGGCCCCTCTGGGCAAAGATTCCACACACGGACGGACATTTTCACCCCTCT	-4095
AV5CG	- CCAAGGACCCATCTGGGCCAAGATCCCAGAGACGGGGGCGCACTTTCACCCCTCT	-4074
AV2CG	- CCCCTCATGGGTGGATTCTGGACTTAAACACCCTCCTCCACAGATTCTCATCAAGA	-4150
AV5CG	- CCGGCCATGGGCGGATTCTGGACTCAAACACCCACCGCCCATGATGCTCATCAAGA	-4129
AV2CG	- ACACCCCGGTACCTGCGAATCCTTCGACCACCTTCAGTG-CGGCAAAGTTTGCTT	-4204
AV5CG	- ACACGCCTGTGCCCCGGAATA--TC-ACCAGCTTCTCGGACGTGCCCGTCAGCAG	-4181

FIG. 5

~~22~~-JAN-1997

=PALIGN

=PC/GENE

 * ALIGNMENT OF TWO PROTEIN SEQUENCES. *

The two sequences to be aligned are:

TRT 6/ACG

AAV2VP1.

DE VP1

OS AAV2

OS AAVZ
Total number of residues: 735.

AAV5VP1.

DE AAV5VP1

OS AAV5VP1

OS AAVSVFI
Total number of residues: 724. 2/01-4272

Comparison matrix : Structure-genetic matrix.

Open gap cost : 8

Unit gap cost : 5

The character to show that two aligned residues are identical is ':'

The character to show that two aligned residues are identical is '.'
The character to show that two aligned residues are similar is ':'

The character to show that two aligned residues are similar is :
Amino acids said to be 'similar' are: A,S,T; D,E; N,Q; R,K; I,L,M,V; F,Y,W

AAV2VP1	-	MAADGYLPDWLEDTLSEGIQWWKLKPGPPPKPAERHKDDSRGLVLPGYKYLG	-55
AAV5VP1	-	MSFVDHPPDWLEE-VGEGLREFLGLLEAGPPKPKPNQQHQDQARGLVLPGYNYLG	-54
AAV2VP1	-	FNGLDKGEPVNEADAAALEHDKAYDRQLDSGDNPYLKYNHADADEFQERLKEDTSF	-110
AAV5VP1	-	GNGLDRGEPVNRADDEVAREHDISYNEQLEAGDNPYLKYNHADADEFQEKLADDTSF	-109
AAV2VP1	-	GGNLGRAVFOAKKRVLEPLGLVEEPVKTPAGKKRPVEHSPVEPDSSSGTGKAGQQ	-165
AAV5VP1	-	GGNLGKAVFOAKKRVLEPFGLVEEGAKTAPTGKRIDDHFPKR--KKARTEEDSKP	-162
AAV2VP1	-	PARKRLNFGQTDGADSVDPDQPLGQPPAAPSSGLGTNTMATGSGAPMADNNEGADG	-220
AAV5VP1	-	STS-----SDAEAGPSGSQQLQIPAQPASSLGADTMSAGGGGPLGDNNQGADG	-210
AAV2VP1	-	VGNSSGNWHCDSTWMGDRVITTTSTRITWALPTYNNHLYKQISSQSG-ASNDNHYFG	-274
AAV5VP1	-	VGNASGDWHCDSTWMGDRVVTKSTRITWVLPSSYNNHQQYREIKSGSVDGSNANAYFG	-265
AAV2VP1	-	YSTPWGYFDFNRFHCHFSRPDWQRLINNNWGFPRPKRLNFKLFNIQVKEVTQNDGT	-329
AAV5VP1	-	YSTPWGYFDFNRFHSHWSRPDWQRLINNYWGFPRPSLRVKIFNIQVKEVTVQDST	-320
AAV2VP1	-	TTIANNLSTSTVQVFTDSEYQLPYVLGSAHQGCLPFPFADVFMVPQYGYLTLNNGS	-384
AAV5VP1	-	TTIANNLSTSTVQVFTDDDYQLPYVVGNGTEGCLPAFPFPQVFTLPQYGYATLNRDN	-375

[illegible]

==22-JAN-1997==PALIGN==PC/GENE==

FIG. 6

31-DEC-1996

PC/GENE

* ALIGNMENT OF TWO PROTEIN SEQUENCES. *

The two sequences to be aligned are:

REP78.
DE REP78
OS AAV
Total number of residues: 621.

AAV5REP.
DE REP
OS AAV5
Total number of residues: 610.

Comparison matrix : Structure-genetic matrix.
Open gap cost : 8
Unit gap cost : 5

The character to show that two aligned residues are identical is ':'
The character to show that two aligned residues are similar is '.'
Amino acids said to be 'similar' are: A,S,T; D,E; N,Q; R,K; I,L,M,V; F,Y,W

```

REP78      - MPGFYEIVIKVPSDDLGHLPGISDSFVNWVAEKEWELPPDSDMDLNLIEQAPLTV -55
              : ::::::::::: : ::::::::::: : : ::::::::::: : :::: :::
AAV5REP    - MATFYEVIVRVFPDVEEHLPGISDSFVDWVTGQIWELPPESDLNLTVEQPQLTV -55
REP78      - AEKLQORDFLTEWRRVSKAPEALFFVQFEKGESYFHMVVLVETTGVKSMVLGRFLS -110
              :... : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5REP    - ADRIRRVFLYEWNKFSKQ-ESKFFVQFEKGSEYFHLHTLVETSGISSMVLGRYVS -109
REP78      - QIREKLIQRIYRGIEPTLPNWFVAVTKTRNGAGGGNKKVVDECYIPNYLLPKTQPEL -165
              ::: : . . ::: : . : ::: : : : : : : : : : : : : : :
AAV5REP    - QIRAQLVKVVFQIEPQINDWVAITKVKKG--GANKVVD SGYIPAYLLPKVQPEL -162
REP78      - QWAWTNMEQYLSACLNLTERKRLVAQHLTHVSQTQEQNKENQNPNSDAPVIRSKT -220
              : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5REP    - QWAWTNLDEYKLAALNLEERKRLVAQFLA-ESSQRSQEAASQREFSADPVIKSKT -216
REP78      - SARYMELVGWLVDKGITSEKQWIQEDQASYISFNAASNRSQIKAALDNAGKIMS -275
              : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5REP    - SQKYMALVNWLVEHGITSEKQWIQENQESYLSFNSTGNSRSQIKAALDNATKIMS -271
REP78      - LTKTAPDYLVGQQPVEDISSNRIYKILELNGYDPQYAAASVFLGWATKKFGKRNTI -330
              : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5REP    - LTKSAVDYLVGSSVPEDISKNRIWQIFEMNGYDPAYAGSILYGWCQRSFNKRNTV -326
REP78      - WLFGPATTTGKTNIAEAIAHTVPFYGCVNWTNENFPFND CVDKMWIWWEEGKMTAK -385
              : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AAV5REP    - WLYGPATTTGKTNIAEAIAHTVPFYGCVNWTNENFPFND CVDKMLIWWEEGKMTNK -381
  
```

REP78 - VVESAKAILGGSKVRVDQKCKSSAQIDPTPVIVTSNTNMCAVIDGNSTTFEHQQP -440
 AAV5REP - VVESAKAILGGSKVRVDQKCKSSVQIDSTPVIVTSNTNMCVVVDGNSTTFEHQQP -436
 REP78 - LQDRMFKFELTRRLDHDGKVTKEVKDFFRWAKDHVVEVEHEFYVKKGGAKKRP -495
 AAV5REP - LEDRMFKFELTKRLPPDFGKITKQEVKDDFAWAKVNQVPVTHEFKVPRELAGTK- -490
 REP78 - APSDADISEPKRVRESVAQPSTSDAEASINYADRYQNKCSREVGNNLMLFFCRQC -550
 AAV5REP - GAEKSLKRPLGDTVNTXYKSLEKRARLSFVPETPRSSDVTVDPAPLRPLNWNTRY -545
 REP78 - ERMNQN SNICFTHGQKDCLECFVSESQPVSVVKKAYQKLCYIHHIMGKVPDACT -605
 AAV5REP - DC-KCDYHAQFDNISNKCDECEYLNRGKNGCICHNVTH-CQICHGIPPWEKENLS -598
 REP78 - ACDLVNVLDLDDCIFEQ -621
 AAV5REP - DF----GDFDDANKEQ -610

Identity : 355 (58.2%)

Similarity: 56 (9.2%)

Number of gaps inserted in REP78: 0

Number of gaps inserted in AAV5REP: 7

31-DEC-1996

PC/GENE

0032200

Apical transduction of human airway epithelia with rAAV2 and rAAV5

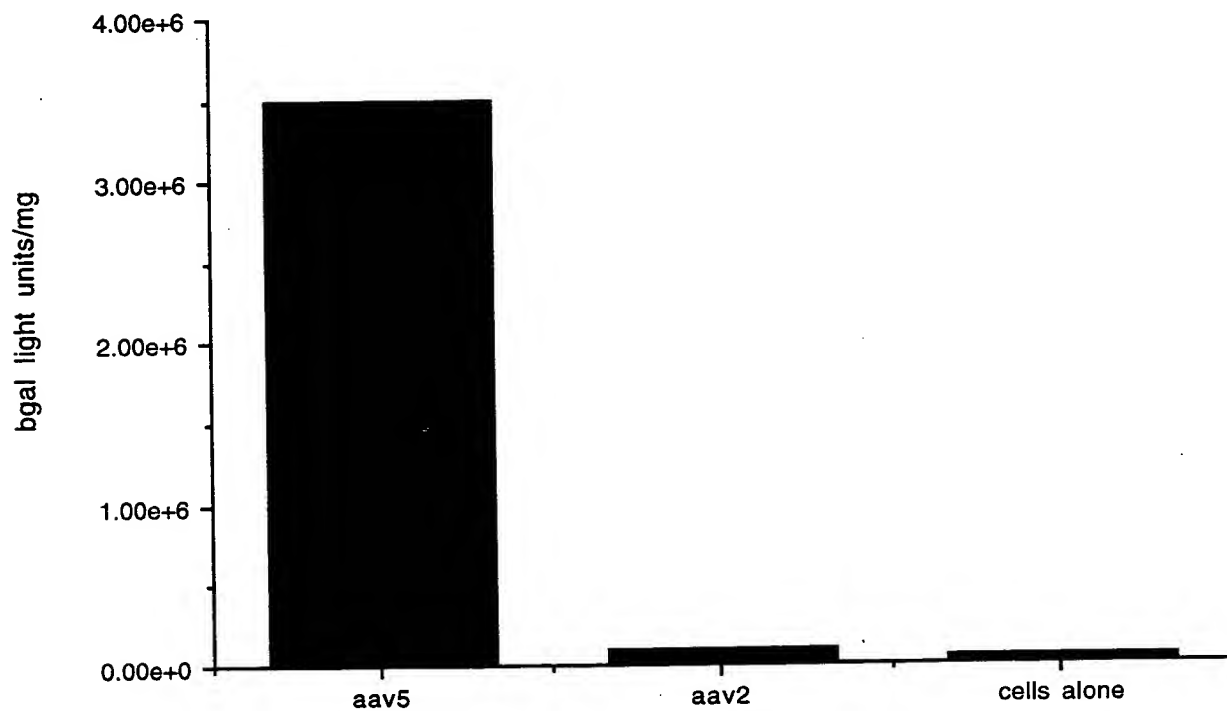


FIG. 7

transduction of primary myoblasts

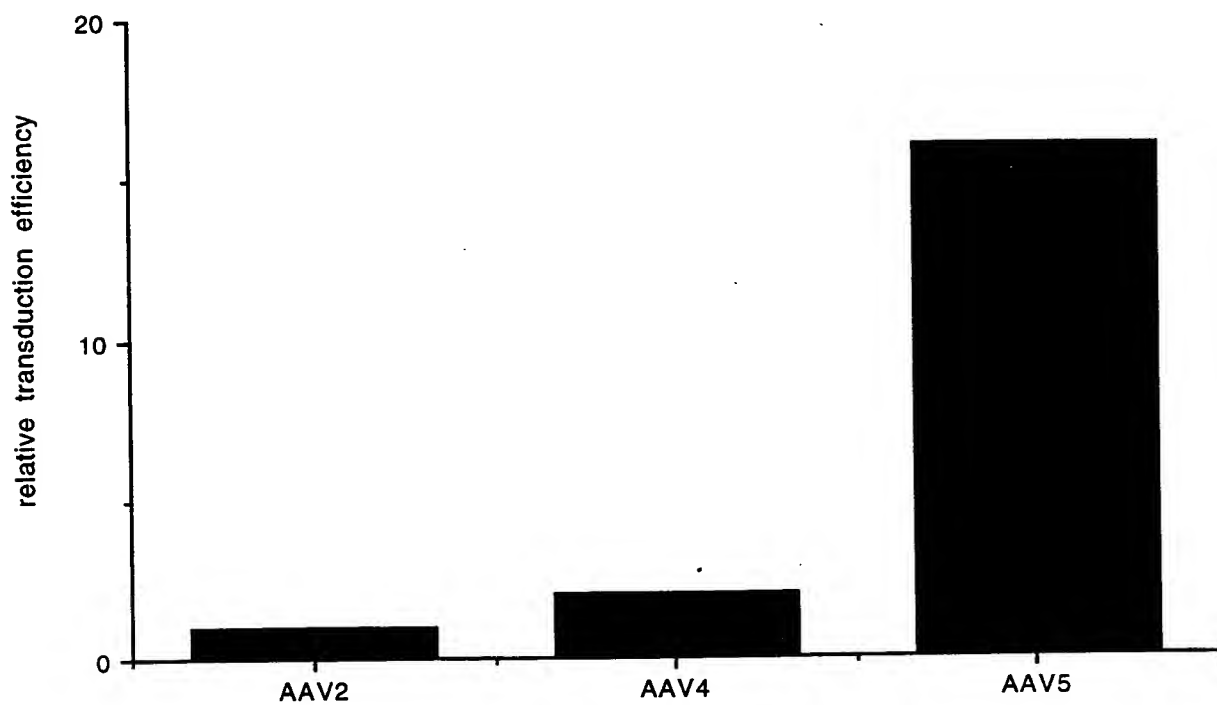


FIG. 8

AAV5 Primary Rat Brain Explant

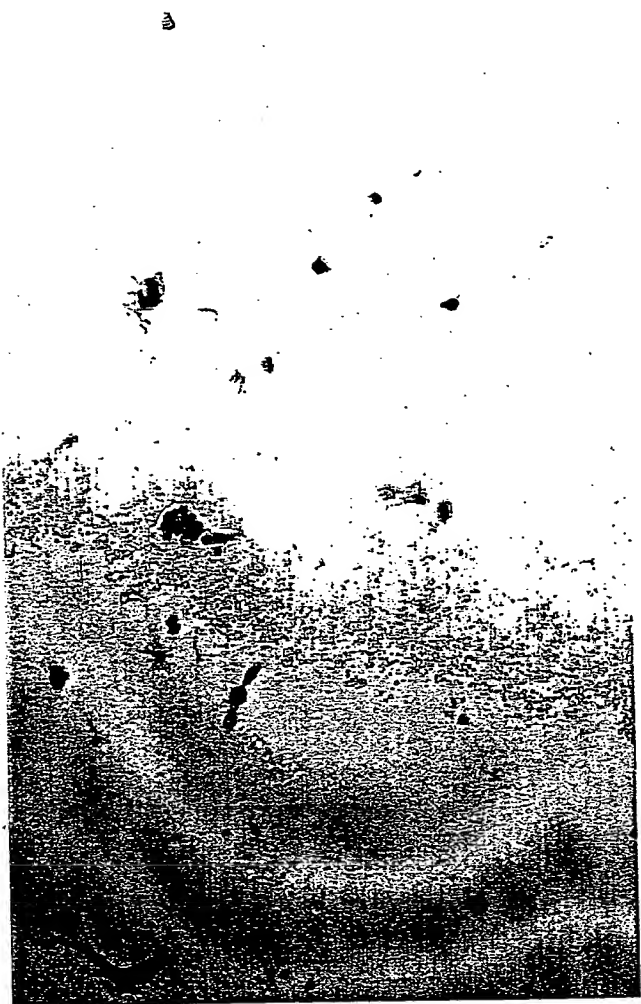


FIG. 9

09533427.032200

HUVEC

FAAV2

FAAV5

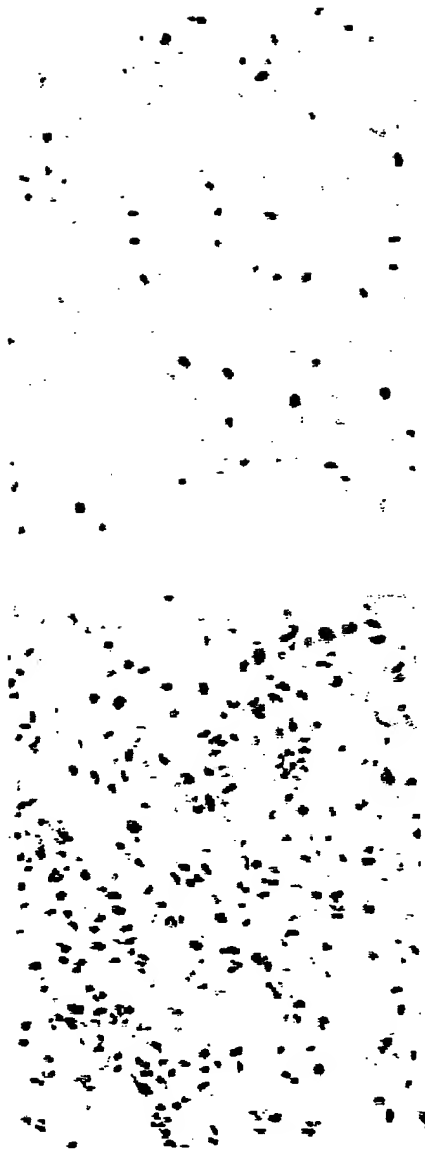


FIG. 10

09533427.032200

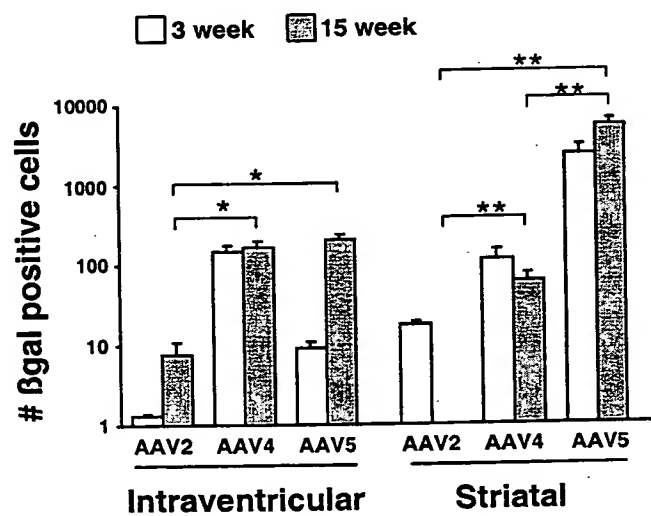


Fig. 11

002220" 24000560

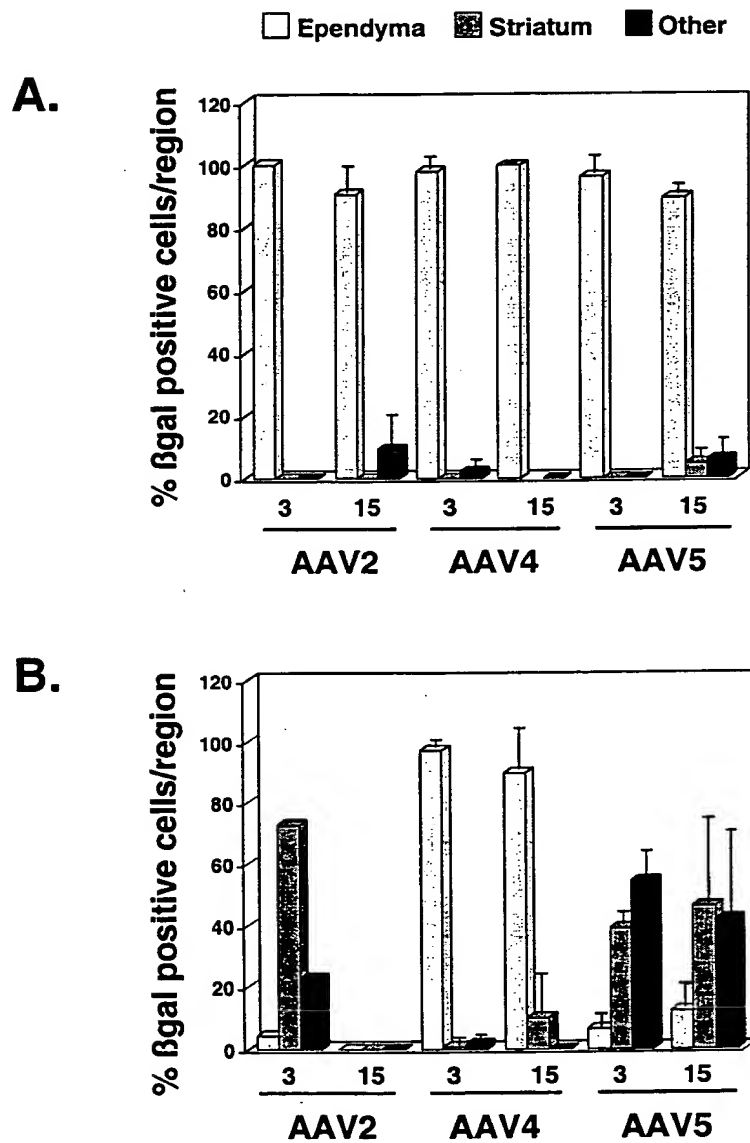


Fig. 12

002220 224E560

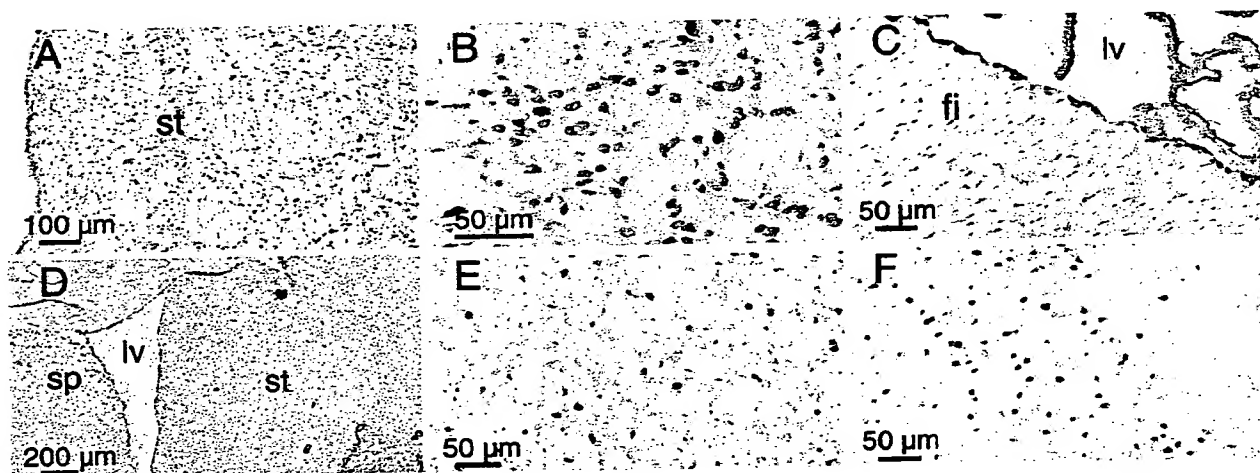


Fig. 13

0953427-032200

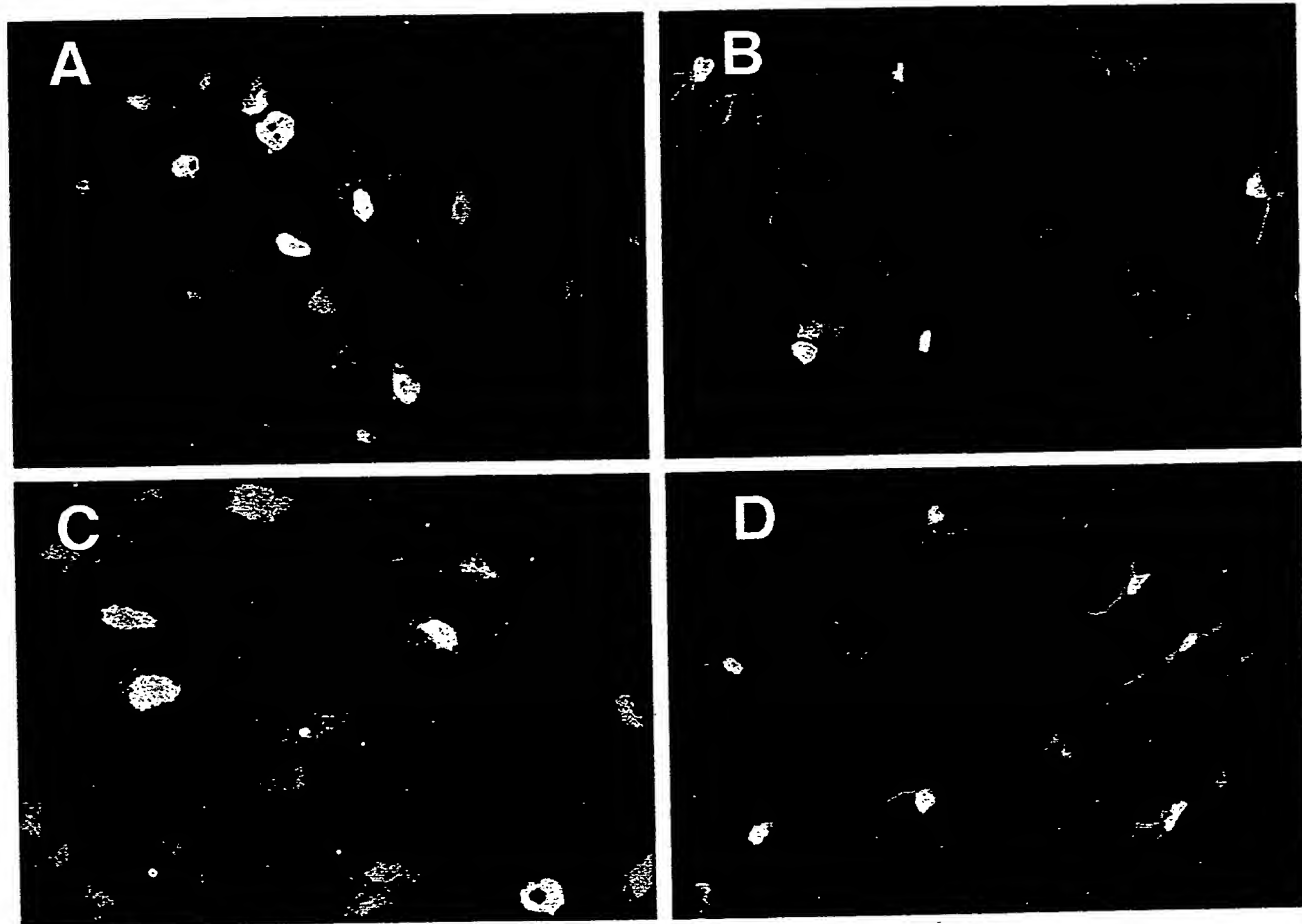


Fig. 14

002210" 224E560

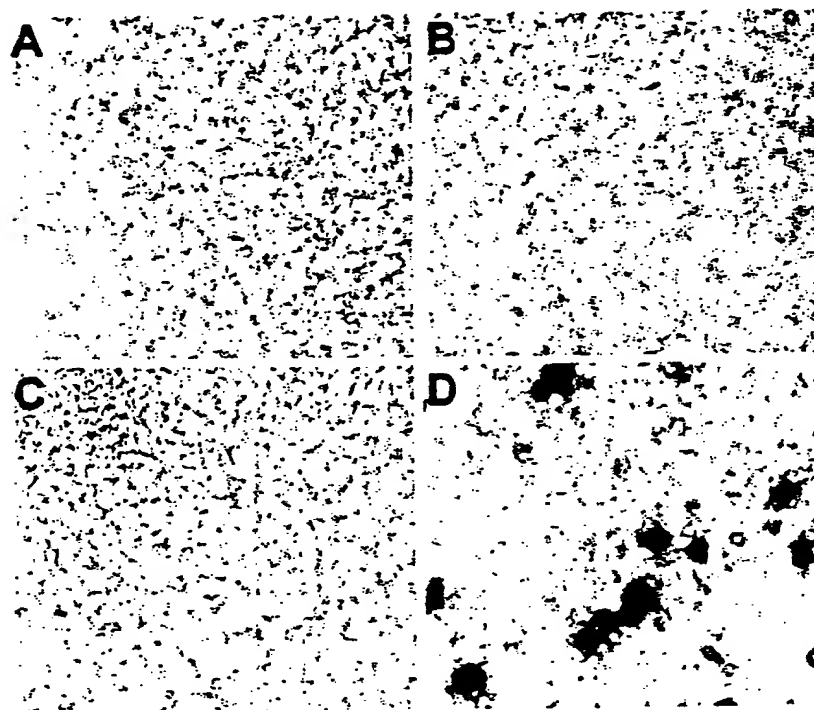


Fig. 15

09533427 032200

E

βGal Activity
(L.U./mgx10⁶)

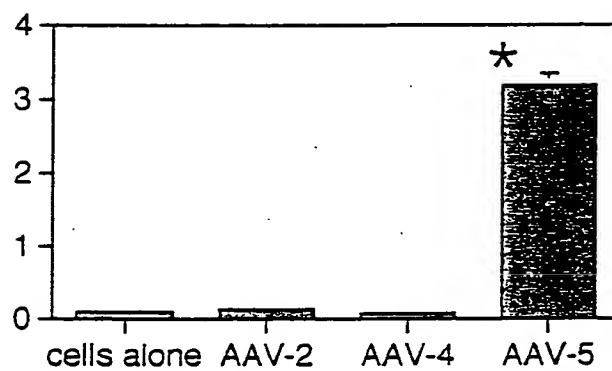
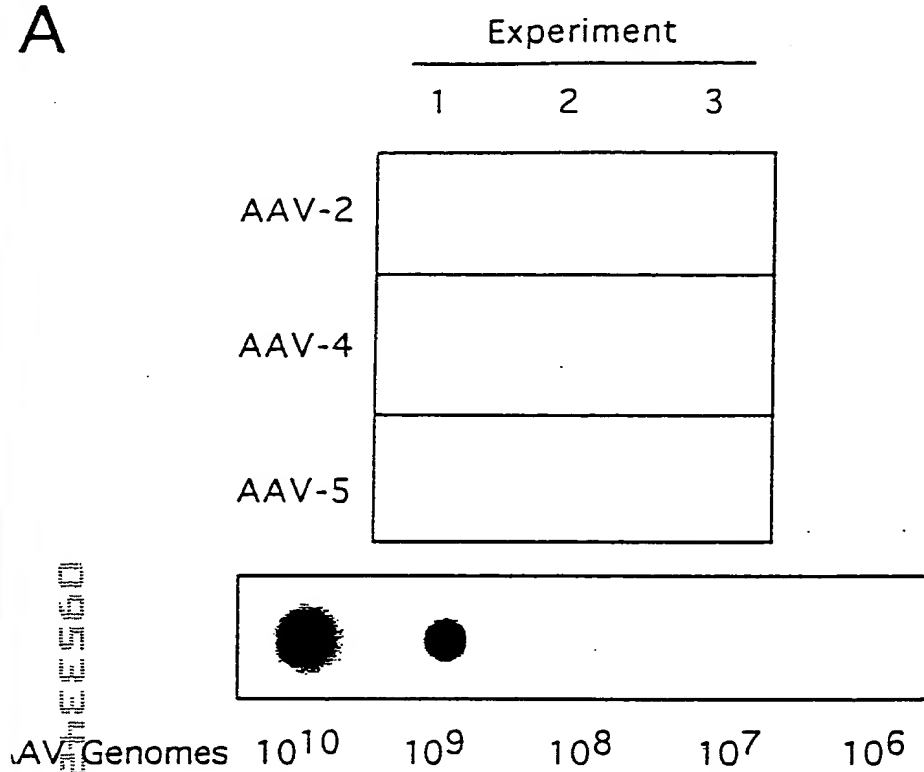


Fig. 1b A

A



B

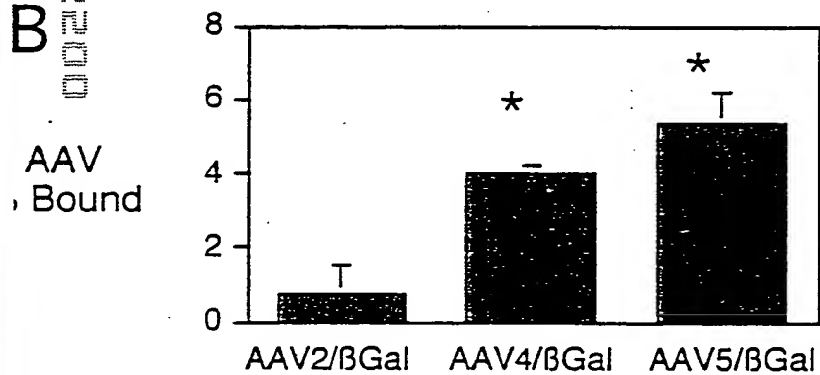


Fig. 16B

002220" 24E550

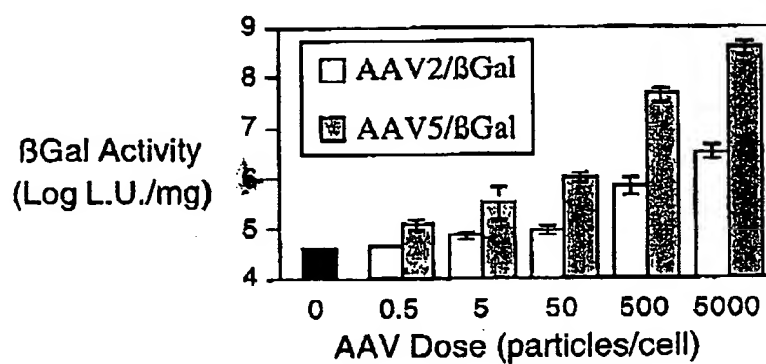


Fig. 17

0053427.032200

β Gal Activity
(L.U./mgx10⁶)

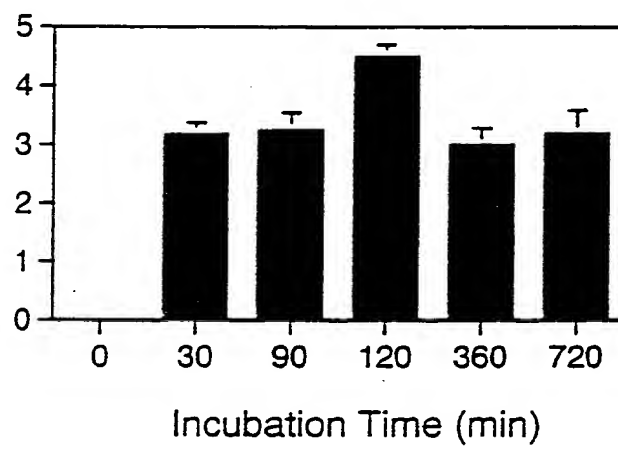


Fig 18

002220 "24422200

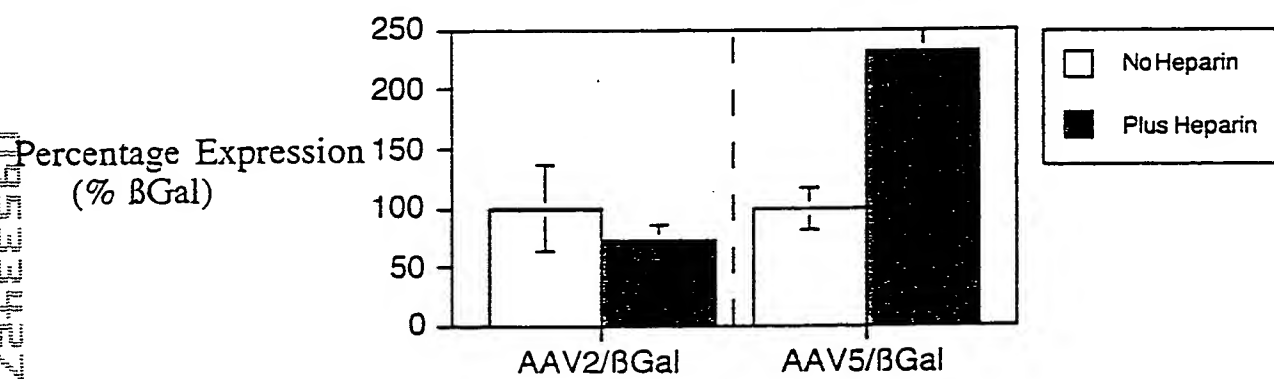


Fig. 19A

002200 032200 033427 03533427

β Gal Activity
(L.U./mgx10⁶)

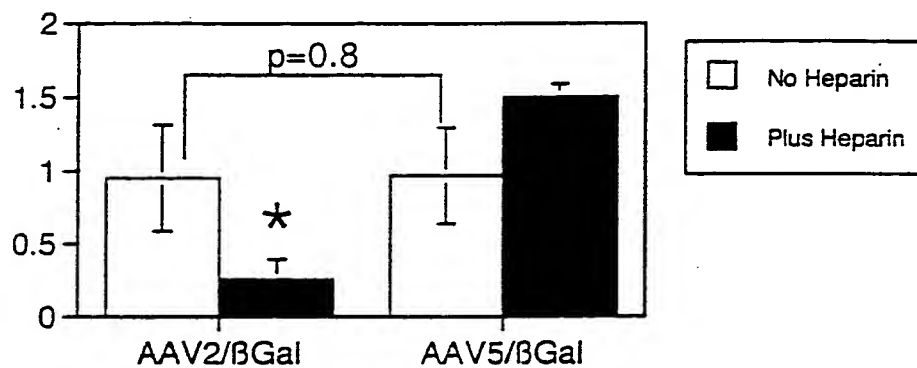


Fig. 19 B

00533427.032200

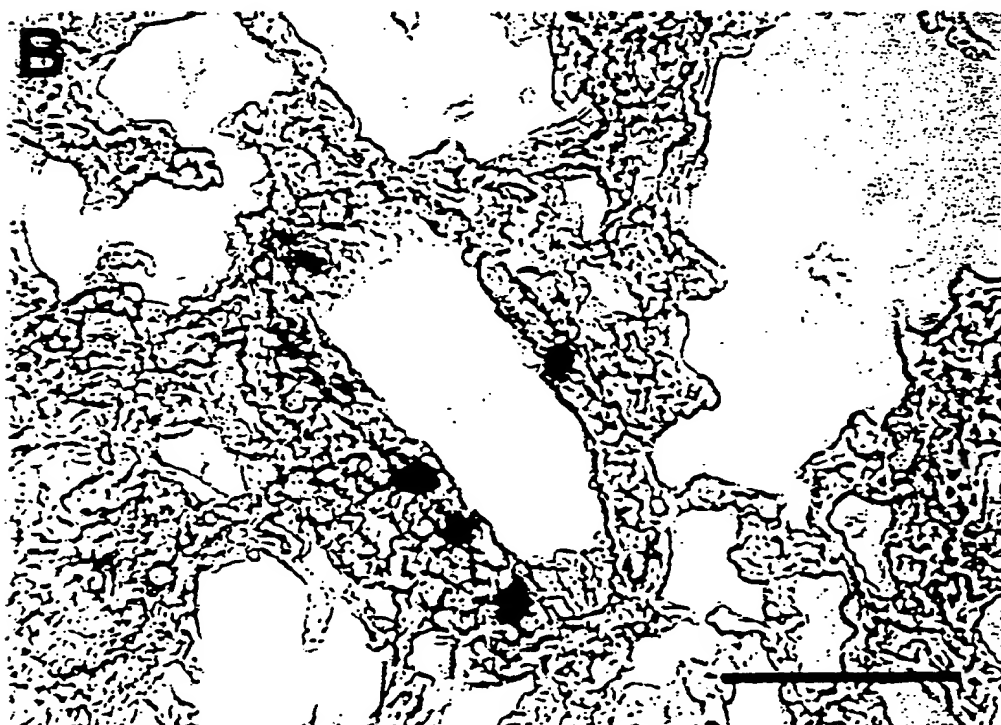
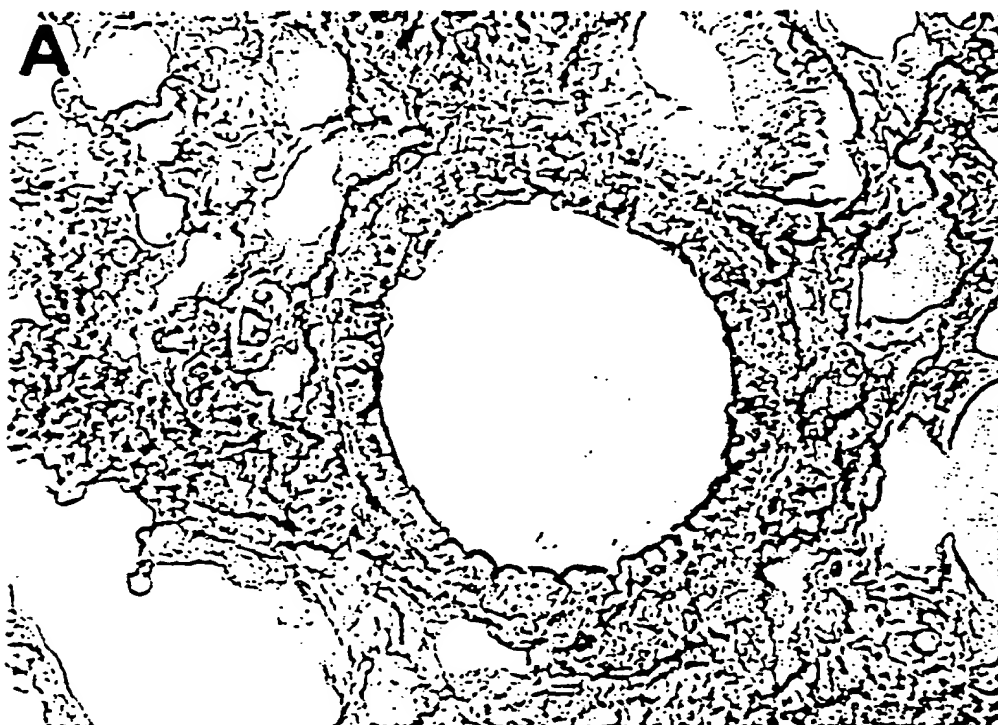


Fig 20 A+B

002220" 246550

Blue Cells / field

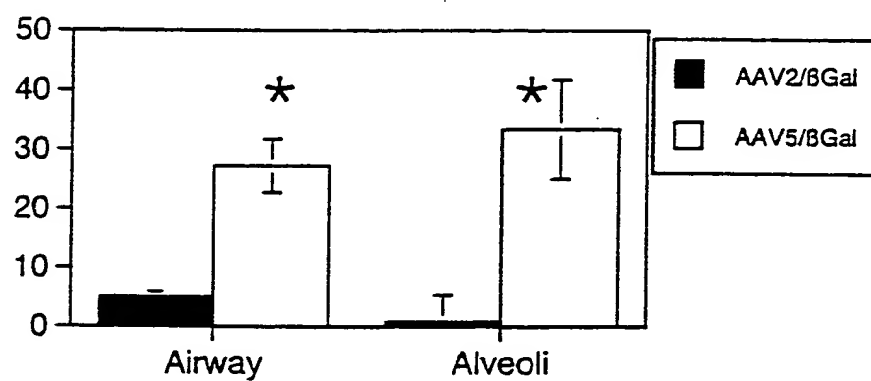


Fig 20C

09533427 032200

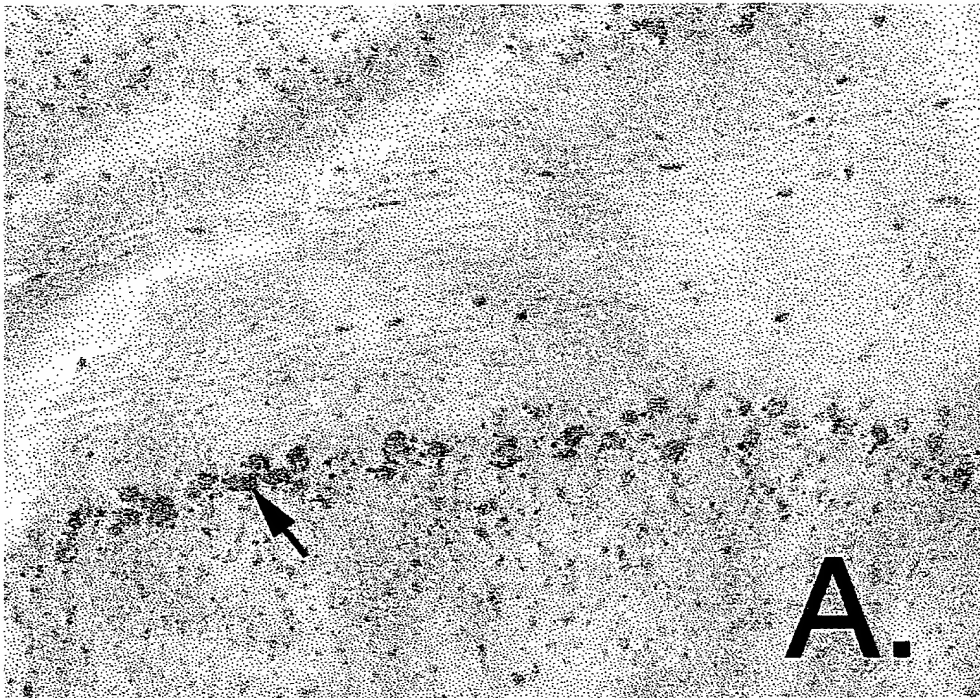
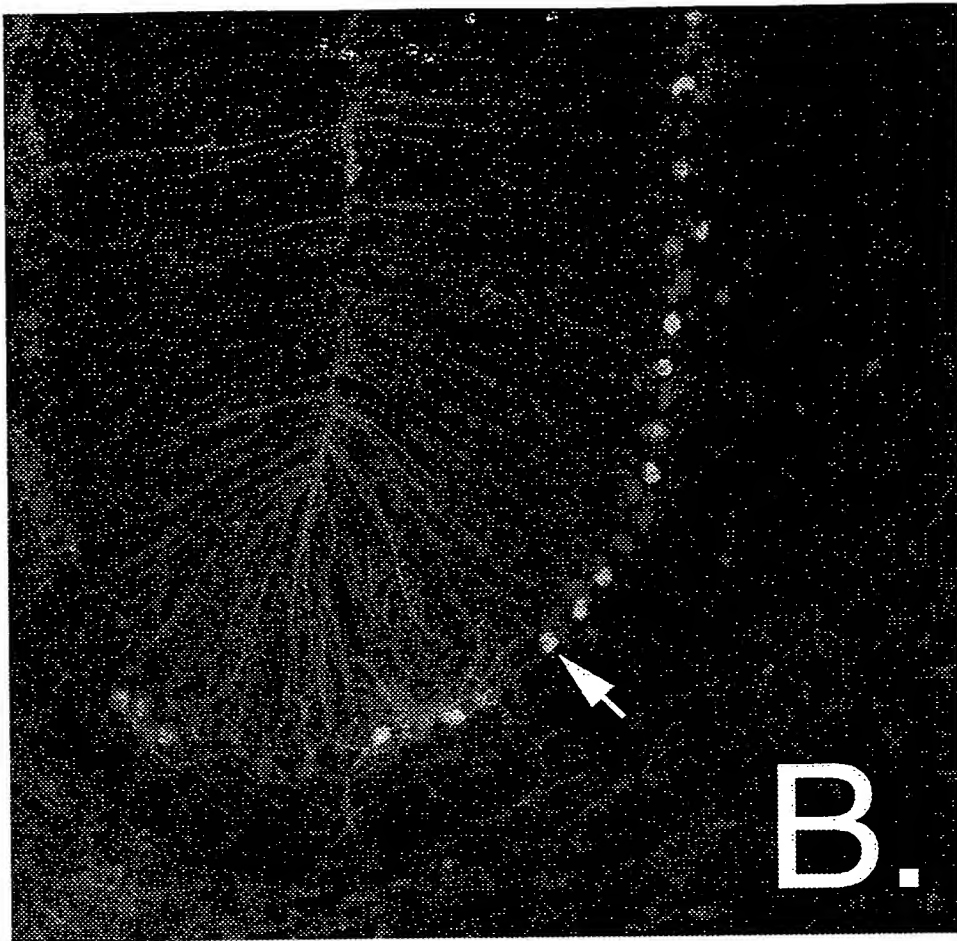
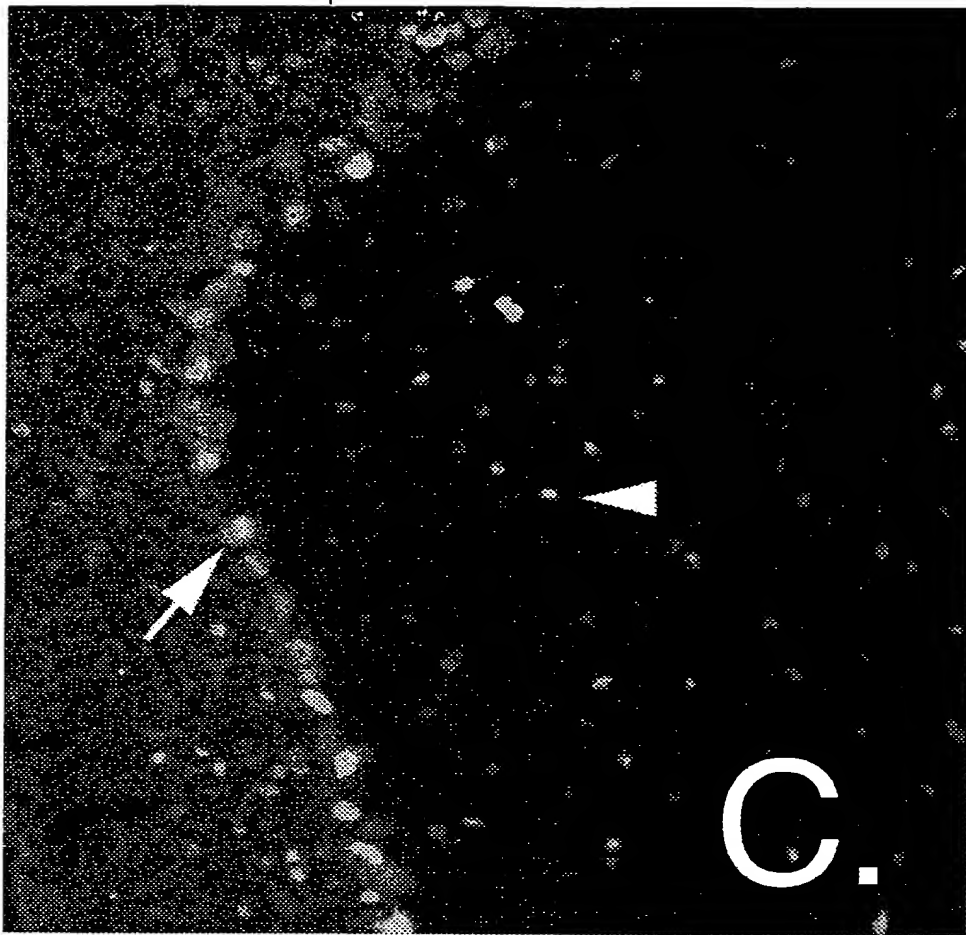


Fig-21



002200

Fig. 22



00222E0

Fig 23